

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
30. August 2001 (30.08.2001)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 01/62064 A2

(51) Internationale Patentklassifikation:

Nicht klassifiziert

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE01/00750

(22) Internationales Anmeldedatum:

23. Februar 2001 (23.02.2001)

(25) Einreichungssprache:

Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache:

Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:

100 10 280.8 25. Februar 2000 (25.02.2000) DE

(81) Bestimmungsstaaten (*national*): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (*regional*): ARIPO-Patent (GI, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(71) Anmelder (*für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US*): EPIGENOMICS AG [DE/DE]; Kastanienallee 24, 10435 Berlin (DE).

Veröffentlicht:

— ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (*nur für US*): OLEK, Alexander [DE/DE]; Schröderstrasse 13, 10115 Berlin (DE). BERLIN, Kurt [DE/DE]; Marienkäferweg 4, 14532 Stahnsdorf (DE).

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes, und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

(74) Anwalt: SCHUBERT, Klemens; Joachimstrasse 9, 10119 Berlin (DE).

(54) Title: METHOD FOR DETECTING CYTOSINE METHYLATION IN DNA SAMPLES

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR DETEKTION VON CYTOSIN-METHYLIERUNG IN DNA PROBEN

(57) Abstract: The invention relates to a method for detecting 5-methylcytosine in genomic DNA samples. Firstly, a genomic DNA from a DNA sample is chemically reacted with a reagent, whereby 5-methylcytosine and cytosine react differently. Afterwards, the pretreated DNA is amplified while using a polymerase and at least one primer. In the next step, the amplified genomic DNA is hybridized to at least one oligonucleotide while forming a duplex, and the same is lengthened by at least one nucleotide, whereby the nucleotide carries a detectable tagging, and the lengthening is subject to the methylation status of the respective cytosine in the genomic DNA sample. In the following step, the lengthened oligonucleotides are examined for the presence of the tagging.

(57) Zusammenfassung: Beschrieben wird ein Verfahren zum Nachweis von 5-Methylcytosin in genomischen DNA-Proben. Zuerst wird eine genomische DNA aus einer DNA-Probe mit einem Reagenz chemisch umgesetzt, wobei 5-Methylcytosin und Cytosin unterschiedlich reagieren, und anschliessend wird die vorbehandelte DNA unter Verwendung einer Polymerase und mindestens einem Primer amplifiziert. Im nächsten Schritt wird die amplifizierte genomische DNA an mindestens ein Oligonukleotid unter Ausbildung einer Duplex hybridisiert und selbiges um mindestens ein Nukleotid verlängert, wobei das Nukleotid eine nachweisbare Markierung trägt und die Verlängerung vom Methylierungsstatus des jeweiligen Cytosins in der genomischen DNA-Probe abhängt. Im nächsten Schritt werden die verlängerten Oligonukleotide auf das Vorhandensein der Markierung untersucht.

WO 01/62064 A2

Verfahren zur Detektion von Cytosin-Methylierung in DNA Proben

5 Die Erfindung betrifft ein Verfahren zum Nachweis von 5-Methylcytosin in genomischen DNA-Proben. Die vorliegende Erfindung beschreibt ein Verfahren zur Detektion des Methylierungszustandes genomischer DNA Proben. Das Verfahren kann gleichzeitig auch zum Nachweis von Punktmutationen und Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) genutzt
10 werden.

Die nach den methodischen Entwicklungen der letzten Jahre in der Molekularbiologie gut studierten Beobachtungsebenen sind die Gene selbst, die Übersetzung dieser Gene in
15 RNA und die daraus entstehenden Proteine. Wann im Laufe der Entwicklung eines Individuums welches Gen angeschaltet wird und wie Aktivieren und Inhibieren bestimmter Gene in bestimmten Zellen und Geweben gesteuert wird, ist mit Ausmaß und Charakter der Methylierung der Gene bzw.
20 des Genoms korrelierbar. Insofern ist die Annahme nahelegend, daß pathogene Zustände sich in einem veränderten Methylierungsmuster einzelner Gene oder des Genoms äußern.

25 5-Methylcytosin ist die häufigste kovalent modifizierte Base in der DNA eukaryotischer Zellen. Sie spielt beispielsweise eine Rolle in der Regulation der Transkription, beim genetischen Imprinting und in der Tumorgenese.
30 Die Identifizierung von 5-Methylcytosin als Bestandteil genetischer Information ist daher von erheblichem Interesse. 5-Methylcytosin-Positionen können jedoch nicht durch Sequenzierung identifiziert werden, da 5-Methylcytosin das gleiche Basenpaarungsverhalten aufweist wie
35 Cytosin. Darüber hinaus geht bei einer PCR-Amplifikation

die epigenetische Information, welche die 5-Methylcytosine tragen, vollständig verloren.

Eine relativ neue und die mittlerweile am häufigsten angewandte Methode zur Untersuchung von DNA auf 5-Methylcytosin beruht auf der spezifischen Reaktion von Bisulfit mit Cytosin, das nach anschließender alkalischer Hydrolyse in Uracil umgewandelt wird, welches in seinem Basenpaarungsverhalten dem Thymidin entspricht. 5-Methylcytosin wird dagegen unter diesen Bedingungen nicht modifiziert. Damit wird die ursprüngliche DNA so umgewandelt, dass Methylcytosin, welches ursprünglich durch sein Hybridisierungsverhalten vom Cytosin nicht unterschieden werden kann, jetzt durch „normale“ molekularbiologische Techniken als einzig verbliebenes Cytosin beispielsweise durch Amplifikation und Hybridisierung oder Sequenzierung nachgewiesen werden kann. Alle diese Techniken beruhen auf Basenpaarung, welche jetzt voll ausgenutzt wird. Der Stand der Technik, was die Empfindlichkeit betrifft, wird durch ein Verfahren definiert, welches die zu untersuchende DNA in einer Agarose-Matrix einschließt, dadurch die Diffusion und Renaturierung der DNA (Bisulfit reagiert nur an einzelsträngiger DNA) verhindert und alle Fällungs- und Reinigungsschritte durch schnelle Dialyse ersetzt (Olek, A. et al., Nucl. Acids. Res. 1996, 24, 5064-5066). Mit dieser Methode können einzelne Zellen untersucht werden, was das Potential der Methode veranschaulicht. Allerdings werden bisher nur einzelne Regionen bis etwa 3000 Basenpaare Länge untersucht, eine globale Untersuchung von Zellen auf Tausenden von möglichen Methylierungsanalysen ist nicht möglich. Allerdings kann auch dieses Verfahren keine sehr kleinen Fragmente aus geringen Probenmengen zuverlässig analysieren. Diese gehen trotz Diffusionsschutz durch die Matrix verloren.

Eine Übersicht über die weiteren bekannten Möglichkeiten, 5-Methylcytosine nachzuweisen, kann aus dem folgenden Übersichtsartikel entnommen werden: Rein, T., DePamphilis, M. L., Zorbas, H., *Nucleic Acids Res.* 1998, 26, 2255.

5

Die Bisulfit-Technik wird bisher bis auf wenige Ausnahmen (z. B. Zechnik, M. et al., *Eur. J. Hum. Gen.* 1997, 5, 94-98) nur in der Forschung angewendet. Immer aber werden kurze, spezifische Stücke eines bekannten Gens nach einer Bisulfit-Behandlung amplifiziert und entweder komplett sequenziert (Olek, A. und Walter, J., *Nat. Genet.* 1997, 17, 275-276) oder einzelne Cytosin-Positionen durch eine „Primer-Extension-Reaktion“ (Gonzalzo, M. L. und Jones, P. A., *Nucl. Acids Res.* 1997, 25, 2529-2531, WO 9500669) oder einen Enzymschnitt (Xiong, Z. und Laird, P. W., *Nucl. Acids. Res.* 1997, 25, 2532-2534) nachgewiesen. Zudem ist auch der Nachweis durch Hybridisierung beschrieben worden (Olek et al., WO 9928498).

Weitere Publikationen, die sich mit der Anwendung der Bisulfit-Technik zum Methylierungsnachweis bei einzelnen Genen befassen, sind: Xiong, Z. und Laird, P. W. (1997), *Nucl. Acids Res.* 25, 2532; Gonzalzo, M. L. und Jones, P. A. (1997), *Nucl. Acids Res.* 25, 2529; Grigg, S. und Clark, S. (1994), *Bioassays* 16, 431; Zeschnik, M. et al. (1997), *Human Molecular Genetics* 6, 387; Teil, R. et al. (1994), *Nucl. Acids Res.* 22, 695; Martin, V. et al. (1995), *Gene* 157, 261; WO 9746705, WO 9515373 und WO 45560.

30

Eine Übersicht über den Stand der Technik in der Oligomer Array Herstellung läßt sich aus einer im Januar 1999 erschienen Sonderausgabe von *Nature Genetics* (*Nature Genetics Supplement*, Volume 21, January 1999) und der dort zitierten Literatur entnehmen.

35

Es existieren verschiedene Verfahren um DNA zu immobilisieren. Das bekannteste Verfahren ist die Festbindung einer DNA, welche mit Biotin funktionalisiert ist, an eine Streptavidin-beschichtete Oberfläche (Uhlen, M. et al. 1988, Nucleic Acids Res. 16, 3025-3038). Die Bindungsstärke dieses Systems entspricht der einer kovalenten chemischen Bindung ohne eine zu sein. Um eine Ziel-DNA kovalent an eine chemisch vorbereitete Oberfläche binden zu können, bedarf es einer entsprechenden Funktionalität der Ziel-DNA. DNA selbst besitzt keine Funktionalisierung, die geeignet ist. Es gibt verschiedene Varianten, in eine Ziel-DNA eine geeignete Funktionalisierung einzuführen: Zwei leicht zu handhabende Funktionalisierungen sind primäre, aliphatische Amine und Thiole. Solche Amine werden quantitativ mit N-Hydroxysuccinimidestern umgesetzt, und Thiole reagieren unter geeigneten Bedingungen quantitativ mit Alkyljodiden. Eine Schwierigkeit besteht im Einführen einer solchen Funktionalisierung in eine DNA. Die einfachste Variante ist die Einführung durch einen Primer einer PCR. Gezeigte Varianten benutzen 5'-modifizierte Primer (NH_2 und SH) und einen bifunktionalen Linker.

Ein wesentlicher Bestandteil der Immobilisierung auf einer Oberfläche ist ihre Beschaffenheit. Bis jetzt beschriebene Systeme sind hauptsächlich aus Silizium oder Metall. Eine weitere Methode zur Bindung einer Ziel-DNA basiert darauf, eine kurze Erkennungssequenz (z. B. 20 Basen) in der Ziel-DNA zur Hybridisierung an ein oberflächenimmobilisiertes Oligonukleotid zu verwenden. Es sind auch enzymatische Varianten zur Einführung von chemisch aktivierten Positionen an eine Ziel-DNA beschrieben worden. Hier wird an einer Ziel-DNA enzymatisch eine 5'- NH_2 -Funktionalisierung durchgeführt.

Für die Abtastung eines immobilisierten DNA-Arrays sind vielfach fluoreszent markierte Sonden verwendet worden. Besonders geeignet für Fluoreszenzmarkierungen ist das einfache Anbringen von Cy3 und Cy5 Farbstoffen am 5'-OH der jeweiligen Sonde. Die Detektion der Fluoreszenz der hybridisierten Sonden erfolgt beispielsweise über ein Konfokalmikroskop. Die Farbstoffe Cy3 und Cy5 sind, neben vielen anderen, kommerziell erhältlich.

Eine Übersicht über den Stand der Technik in der Oligomer Array Herstellung läßt sich aus einer im Januar 1999 erschienenen Sonderausgabe von Nature Genetics (Nature Genetics Supplement, Volume 21, January 1999), der dort zitierten Literatur und dem US-A1 5994065 über Methoden zur Herstellung von festen Trägern für Zielmoleküle wie Oligonukleotide bei vermindertem nichtspezifischem Hintergrundsignal entnehmen.

Neuere Verfahren zum Nachweis von Mutationen sind im folgenden aufgeführt:
Als ein Spezialfall der Sequenzierung ist die Einzelbasen-Primer-Erweiterung (Genetic Bit Analysis) erwähnenswert (Head, SR., Rogers, YH., Parikh K., Lan, G., Anderson, S., Goelet, P., Boycejacino MT., Nucleic Acids Research. 25(24): 5065-5071, 1997; Picoult-Newberg, L., Genome Res. 9(2): 167-174, 1999). Eine kombinierte Amplifikation und Sequenzierung wird in US-A1 5928906 beschrieben, wo eine basenspezifische Terminierung auf Matrixmolekülen eingesetzt wird. Ein weiteres Verfahren setzt eine Ligase/Polymerasereaktion für die Identifikation von Nukleotiden ein (US-A1 5952174).

Matrix-assistierte Laser Desorptions/Ionisations-Massenspektrometrie (MALDI) ist eine sehr leistungsfähige Entwicklung für die Analyse von Biomolekülen (Karas, M. und Hillenkamp, F. (1988), Laser desorption ionization of

proteins with molecular masses exceeding 10000 daltons. Anal. Chem. 60: 2299-2301). Ein Analyt wird in eine lichtabsorbierende Matrix eingebettet. Durch einen kurzen Laserpuls wird die Matrix verdampft und das Analytmolekül so unfragmentiert in die Gasphase befördert. Durch Stöße mit Matrixmolekülen wird die Ionisation des Analyten erreicht. Eine angelegte Spannung beschleunigt die Ionen in ein feldfreies Flugrohr. Auf Grund ihrer verschiedenen Massen werden Ionen unterschiedlich stark beschleunigt. Kleinere Ionen erreichen den Detektor früher als größere.

Maldi eignet sich ausgezeichnet zur Analyse von Peptiden und Proteinen. Die Analyse von Nukleinsäuren ist etwas schwieriger (Gut, I. G. und Beck, S. (1995), DNA and Matrix Assisted Laser Desorption Ionization Mass Spectrometry. Molecular Biology: Current Innovations and Future Trends 1: 147-157.) Für Nukleinsäuren ist die Empfindlichkeit etwa 100 mal schlechter als für Peptide und nimmt mit zunehmender Fragmentgröße überproportional ab. Für Nukleinsäuren, die ein vielfach negativ geladenes Rückgrat haben, ist der Ionisationsprozeß durch die Matrix wesentlich ineffizienter. Für MALDI spielt die Wahl der Matrix eine eminent wichtige Rolle. Für die Desorption von Peptiden sind einige sehr leistungsfähige Matrices gefunden worden, die eine sehr feine Kristallisation ergeben. Für DNA gibt es zwar mittlerweile einige ansprechende Matrices, jedoch wurde dadurch der Empfindlichkeitsunterschied nicht verringert. Der Empfindlichkeitsunterschied kann verringert werden, indem die DNA chemisch so modifiziert wird, dass sie einem Peptid ähnlicher wird. Phosphorothioatnukleinsäuren, bei denen die gewöhnlichen Phosphate des Rückgrats durch Thiophosphate substituiert sind, lassen sich durch einfache Alkylierungsschemie in eine ladungsneutrale DNA umwandeln (Gut, I. G. und Beck, S. (1995), A procedure for selective DNA alkylation and detection by mass spectrometry. Nucleic

Acids Res. 23: 1367-1373). Die Kopplung eines „charge tags„ an diese modifizierte DNA resultiert in der Steigerung der Empfindlichkeit um den gleichen Betrag, wie er für Peptide gefunden wird. Ein weiterer Vorteil von „charge tagging„ ist die erhöhte Stabilität der Analyse gegen Verunreinigungen, die den Nachweis unmodifizierter Substrate stark erschweren.

Genomische DNA wird durch Standardmethoden aus DNA von Zell-, Gewebe- oder sonstigen Versuchsproben gewonnen. Diese Standardmethodik findet sich in Referenzen wie Fritsch und Maniatis eds., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 1989.

Gemeinsamkeiten zwischen Promotoren bestehen nicht nur im Vorkommen von TATA- oder GC-Boxen sondern auch darin, für welche Transkriptionsfaktoren sie Bindestellen besitzen und in welchem Abstand diese sich zueinander befinden. Die existierenden Bindestellen für ein bestimmtes Protein stimmen in ihrer Sequenz nicht vollständig überein, es finden sich aber konservierte Folgen von mindestens 4 Basen, die durch das Einfügen von „Wobbles„, d. h. Positionen, an denen sich jeweils unterschiedliche Basen befinden, noch verlängert werden können. Des weiteren liegen diese Bindestellen in bestimmten Abständen zueinander vor.

Die Verteilung der DNA im Interphase-Chromatin, das den größten Teil des nuklearen Volumens einnimmt, unterliegt jedoch einer ganz speziellen Ordnung. So ist die DNA an mehreren Stellen an die nukleare Matrix, eine filamentöse Struktur an der Innenseite der nuklearen Membran, angeheftet. Diese Regionen bezeichnet man als matrix attachment regions (MAR) oder scaffold attachment regions (SAR). Das Anheften hat wesentlichen Einfluß auf die Transkription bzw. die Replikation. Diese MAR-Fragmente

weisen keine konservativen Sequenzen auf, bestehen allerdings zu 70% aus A bzw. T und liegen in der Nähe von cis-agierenden Regionen, die die Transkription allgemein regulieren, und Topoisomerase II-Erkennungsstellen.

5

Neben Promotoren und Enhancern existieren weitere regulatorische Elemente für verschiedene Gene, sogenannte Insulators. Diese Insulators können z.B. die Wirkung des Enhancers auf den Promotor inhibieren, wenn sie zwischen Enhancer und Promotor liegen, oder aber, zwischen Heterochromatin und einem Gen gelegen, das aktive Gen vor dem Einfluß des Heterochromatins schützen. Beispiele für solche Insulators sind: 1. sogenannte LCR (locus control regions), welche aus mehreren gegenüber DNAase I hypersensitiven Stellen besteht; 2. bestimmte Sequenzen wie SCS (specialized chromatin structures) bzw. SCS', 350 bzw. 200 bp lang und hoch-resistent gegen Degradierung durch DNAase I und auf beiden Seiten von hypersensitiven Stellen flankiert (Abstand je 100 bp). An scs' bindet das Protein BEAF-32. Diese Insulators können auf beiden Seiten des Gens liegen.

Aufgabe der vorliegenden Erfindung ist es ein Verfahren bereitstellen, welches sich zum gleichzeitigen Detektieren von Cytosin-Methylierungen und SNPs in genomischen DNA-Proben besonders eignet. Dabei soll bevorzugt eine Vielzahl von Fragmenten gleichzeitig untersucht werden können.

Die Aufgabe wird erfindungsgemäß durch ein Verfahren zum Nachweis von 5-Methylcytosin in genomischen DNA-Proben gelöst, wobei man die folgenden Schritte ausführt:
(a) man setzt eine genomische DNA aus einer DNA-Probe mit einem Reagenz chemisch um, wobei 5-Methylcytosin und Cytosin unterschiedlich reagieren und diese somit nach der Reaktion ein unterschiedliches Basenpaarungsverhalten in

der DNA Duplex zeigen;

(b) man amplifiziert die vorbehandelte DNA unter Verwendung einer Polymerase und mindestens einem Oligonukleotid (Typ A) als Primer;

5 (c) man hybridisiert die amplifizierte genomische DNA an mindestens ein Oligonukleotid (Typ B) unter Ausbildung einer Duplex, wobei besagte hybridisierte Oligonukleotide des Typs B mit ihrem 3'-Ende unmittelbar oder im Abstand von bis zu 10 Basen an die Positionen angrenzen, die hinsichtlich ihrer Methylierung in der genomischen DNA-Probe
10 zu untersuchen sind;

(d) man verlängert das Oligonukleotid (Typ B) mit bekannter Sequenz von n Nukleotiden mittels einer Polymerase mindestens um ein Nukleotid, wobei das Nukleotid eine
15 nachweisbare Markierung trägt und die Verlängerung vom Methylierungsstatus des jeweiligen Cytosins in der genomischen DNA-Probe abhängt;

(e) man untersucht die verlängerten Oligonukleotide auf das Vorhandensein der Markierung.

20

Erfindungsgemäß bevorzugt ist es dabei, dass man die Oligonukleotide (Typ B) an definierten Stellen an eine Festphase bindet oder dass man die Amplifikate an definierten Stellen an eine Festphase bindet.

25

Weiterhin ist dabei erfindungsgemäß bevorzugt, dass man unterschiedliche Oligonukleotidsequenzen auf einer ebenen Festphase in Form eines rechtwinkligen oder hexagonalen Gitters anordnet. Dabei ist bevorzugt, dass die an den
30 verlängerten Oligonukleotiden angebrachten Markierungen an jeder Position der Festphase, an der sich eine Oligonukleotidsequenz befindet, identifizierbar sind.

Erfindungsgemäß bevorzugt ist ferner, dass man bei der
35 Amplifikation mindestens einen Primer (Typ A) an eine Festphase bindet.

Es ist ferner in bestimmten Fällen bevorzugt, dass man unterschiedliche Amplifikate auf der Festphase in Form eines rechtwinkligen oder hexagonalen Gitters anordnet.

5

Weiterhin ist es erfindungsgemäß bevorzugt, dass man die Behandlung der DNA vor der Amplifikation mit einer Bisulfitlösung (=Disulfit, Hydrogensulfit) durchführt.

10

Es ist erfindungsgemäß ferner bevorzugt, dass die Amplifikation mittels der Polymerasekettenreaktion (PCR) erfolgt.

15

Außerdem ist es erfindungsgemäß bevorzugt, dass die verwendeten Oligonukleotide des Typs A entweder nur die Basen T, A und C oder aber die Basen T, A und G enthalten und/oder dass die verwendeten Oligonukleotide des Typs B entweder nur die Basen T, A und C oder aber die Basen T, A und G enthalten.

20

Es ist ferner erfindungsgemäß bevorzugt, dass die Markierungen der Nukleotide Fluoreszenzmarkierungen sind.

25

Dabei ist es besonders bevorzugt, dass die Markierungen der Nukleotide Radionuklide sind.

30

Erfindungsgemäß ist es auch bevorzugt, dass die Markierungen der Nukleotide ablösbare Massenmarkierungen sind, die in einem Massenspektrometer nachgewiesen werden.

35

Es ist weiterhin erfindungsgemäß bevorzugt, dass die verlängerten Oligonukleotide insgesamt im Massenspektrometer nachgewiesen werden und somit durch ihre Masse eindeutig markiert sind.

Bevorzugt ist es auch, dass jeweils ein Fragment der verlängerten Oligonukleotide im Massenspektrometer nachgewiesen wird.

- 5 Insbesondere bevorzugt ist es erfindungsgemäß, dass man das Fragment des verlängerten Oligonukleotids durch Verdau mit einer oder mehrerer Exo- oder Endonukleasen erzeugt.
- 10 Außerdem ist es erfindungsgemäß bevorzugt, dass zur besseren Detektierbarkeit im Massenspektrometer die erzeugten Fragmente eine einzelne positive oder negative Nettoladung aufweisen.
- 15 Besonders bevorzugt ist es, dass man die Detektion der verlängerten Oligonukleotide mittels Matrix assistierter Laser Desorptions/Ionisations Massenspektrometrie (MALDI) oder mittels Elektrospray Massenspektrometrie (ESI) durchführt und visualisiert.
- 20 Das erfindungsgemäße Verfahren ist auch bevorzugt, wenn die Polymerasen hitzebeständige DNA-Polymerasen sind.
- 25 Das erfindungsgemäße Verfahren ist ebenfalls bevorzugt, wenn man zusätzlich zur DNA-Methylierung auch SNPs detektiert und visualisiert.
- 30 Entsprechend bevorzugt ist das Verfahren auch, wobei die eingesetzten Nukleotide terminierende (Typ C 2) und/oder kettenverlängernde Nukleotide (Typ C 1) sind.
- 35 Bevorzugt ist auch ein erfindungsgemäße Verfahren, wobei man das kettenterminierende Nukleotid (Typ C 2) aus einer Gruppe auswählt, die entweder die Basen T und C oder aber die Basen G und A umfasst und/oder wobei man die kettenverlängernden Nukleotide (Typ C 1) aus einer Gruppe aus-

wählt, die entweder die Nukleobasen A, T und C oder aber die Basen G und A und T umfasst.

5 Es ist ferner erfindungsgemäß bevorzugt, dass man die Amplifikation von mehreren DNA-Abschnitten in einem Reaktionsgefäß durchführt.

10 Außerdem ist es bevorzugt, dass das fluoreszenzmarkierte dCTP-Derivat Cy3-dCTP oder Cy5-dCTP ist.

Besonders bevorzugt ist es, dass die Festphasenoberfläche aus Silizium, Glas, Polystyrol, Aluminium, Stahl, Eisen, Kupfer, Nickel, Silber oder Gold besteht.

15 Weiterhin ist ein Verfahren bevorzugt, wobei man die genomische DNA aus einer DNA-Probe erhält, wobei Quellen für DNA z. B. Zelllinien, Blut, Sputum, Stuhl, Urin, Gehirn-Rückenmarks-Flüssigkeit, in Paraffin einbettetes Gewebe, histologische Objektträger und alle möglichen Kombinationen hiervon umfaßt.

20 Ganz besonders bevorzugt ist schließlich ein Verfahren bei dem man Methylierungsanalysen des oberen und unteren DNA-Stranges gleichzeitig durchführt.

25 Beschrieben wird ein Verfahren zum Nachweis von Methylcytosin in genomischen DNA-Proben:

30 Die Methode beinhaltet die Amplifikation, Hybridisierung und Verlängerungsreaktion einer gesamten DNA oder eines Fragments hiervon. Die Methode kann benutzt werden zum Nachweis von Methylcytosin und auch gleichzeitig von Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) und Mutationen.

35 Die zu analysierende genomische DNA wird bevorzugt aus üblichen Quellen für DNA erhalten, wie z. B. Zelllinien,

Blut, Sputum, Stuhl, Urin, Gehirn-Rückenmarks-
Flüssigkeit, in Paraffin eingebettetes Gewebe, histologi-
sche Objektträger und alle möglichen Kombinationen hier-
von.

5

Im ersten Schritt des Verfahrens wird die eingesetzte DNA
bevorzugt mit Bisulfit, (= Disulfit, Hydrogensulfit) oder
aber einer anderen Chemikalie derart behandelt, dass alle
nicht an der 5-Position der Base methylierten Cytosinba-
sen so verändert werden, dass eine hinsichtlich dem Ba-
senpaarungsverhalten unterschiedliche Base entsteht, wäh-
rend die in 5-Position methylierten Cytosine unverändert
bleiben. Wird Bisulfit verwendet, so findet an den nicht
methylierten Cytosinbasen eine Addition statt. Die an-
schließende alkalische Hydrolyse führt dann zur Umwand-
lung von nicht methylierten Cytosin-Nukleobasen in Ura-
cil. Die eingesetzte genomische DNA wird bevorzugt vor der
chemischen Behandlung mit einer Restriktionsendonuklease
fragmentiert.

10

15

20

25

Im zweiten Schritt des Verfahrens wird die vorbehandelte
DNA bevorzugt unter Verwendung einer hitzebeständigen Po-
lymerase und mindestens einem Primer (Typ A) amplifi-
ziert. Dieser Primer kann bevorzugt 10-40 Basenpaare ent-
halten.

30

In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens
wird die Amplifikation mit Primern des Typs A mittels der
Polymerasekettenreaktion (PCR) durchgeführt.

In einer bevorzugten Variante des Verfahrens wird die
Amplifikation von mehreren DNA-Fragmenten in einem Reak-
tionsgefäß durchgeführt. Dies kann entweder eine so ge-
nannte Multiplex PCR sein, in der verschiedene Primer je-
weils definierte Fragmente erzeugen. Es werden verschie-
dene definierte Amplifikationen in einem Reaktionsgefäß

35

durchgeführt; In einer weiteren, besonders bevorzugten Variante des Verfahrens amplifizieren Primer gezielt und reproduzierbar jeweils mehrere Fragmente. Dies kann entweder dadurch erzielt werden, dass sie beispielsweise an repetitive Elemente im Genom binden. In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens binden die Primer an Transcription Factor Binding Sites, an Promotoren oder andere regulatorische Elemente in Genen. In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens findet die Amplifikation durch Verlängerung von Primern statt, die an eine Festphase gebunden sind. Eine Multiplex-PCR im weiteren Sinne kann dadurch ausgeführt werden, dass unterschiedliche Primer an verschiedenen, definierten Orten einer Festphase gebunden sind.

In einer wiederum bevorzugten Variante des zweiten Verfahrensschrittes ist die Festphase eben, wobei die unterschiedlichen Oligonukleotidsequenzen in Form eines rechtwinkligen oder hexagonalen Gitters angeordnet sind. Das hat zur Folge, dass auch die unterschiedlichen Amplifikate auf der Festphase in Form eines rechtwinkligen oder hexagonalen Gitters angeordnet sind. Wie bereits oben beschrieben, werden in diesem Fall mehrere Amplifikate direkt auf der Festphase erzeugt.

Die Festphasenoberfläche besteht bevorzugt aus Silizium, Glas, Polystyrol, Aluminium, Stahl, Eisen, Kupfer, Nickel, Silber oder Gold.

In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens enthalten die Oligonukleotide des Typs A entweder nur die Basen T, A und C oder nur die Basen T, A und G.

Im dritten Verfahrensschritt wird die amplifizierte genomische DNA an mindestens einen Primer (Typ B) unter Ausbildung einer Duplex hybridisiert. Das Oligonukleotid Typ

B enthält bevorzugt 10-35 Basenpaare. Die hybridisierten Oligonukleotide des Typs B grenzen mit ihrem 3'-Ende unmittelbar oder im Abstand von bis zu 10 Basen an die Positionen an, die hinsichtlich ihrer Methylierung in der genomischen DNA-Probe zu untersuchen sind.

Die an die Amplifikate hybridisierten Oligonukleotide können mit ihrem 5'-Ende oder an einer anderen Base oder über ihr Rückgrat mit einer Festphase verbunden sein, nicht aber über ihr 3'-Ende. Bevorzugt erfolgt eine Bindung über das 5'-Ende. In einer bevorzugten Variante ist die Festphase eben, wobei die unterschiedlichen Oligonukleotidsequenzen (Typ B) in Form eines rechtwinkligen oder hexagonalen Gitters angeordnet sind.

Die Festphasenoberfläche besteht bevorzugt aus Silizium, Glas, Polystyrol, Aluminium, Stahl, Eisen, Kupfer, Nickel, Silber oder Gold.

In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens enthalten die Oligonukleotide des Typs B entweder nur die Basen T, A und C oder nur die Basen T, A und G.

Im vierten Verfahrensschritt wird das entstandene Oligonukleotid mit einer hitzebeständigen Polymerase um mindestens ein bis maximal zehn Nukleotide verlängert, wobei zumindest ein Nukleotid eine nachweisbare Markierung trägt. Die Art der Verlängerung hängt dabei vom Methylierungsstatus des jeweiligen Cytosins in der genomischen DNA-Probe ab, oder aber von eventuell vorhandenen SNPs, Punktmutationen oder Deletionen, Insertionen und Inversionen.

Bei unmittelbarem Angrenzen des Oligonukleotids des Typs B an die zu untersuchende Position sind nur terminierende Oligonukleotide (Typ C2) erforderlich. Je nach Sequenz

können jedoch auch kettenverlängernde Oligonukleotide verwendet werden, sofern es im jeweiligen Sequenzkontext möglich ist.

- 5 In einer bevorzugten Variante des Verfahrens sind die eingesetzten Nukleotide terminierende (Typ C2) und/oder kettenverlängernde Nukleotide (Typ C1). Dabei ist das terminierende Nukleotid (Typ C2) ein 2',3'-Didesoxynukleotid und das kettenverlängernde Nukleotid ein 2'-
10 Desoxynukleotid. In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens werden die Nukleobasen des Typs C1 aus einer Gruppe ausgewählt, die die Basen T, A und C oder aber die Basen T, A und G enthält. In einer weiteren, besonders bevorzugten Variante des Verfahrens werden die
15 Nukleobasen des Typs C2 aus einer Gruppe ausgewählt, die entweder die Basen T und C oder aber die Basen G und A enthält.

- Die Markierung der verlängerten Oligonukleotide des Typs
20 B erfolgt bevorzugt über absorbierende Farbstoffe und/oder über Chemilumineszenz und/oder über radioaktive Isotope und/oder über Fluoreszenzmarkierungen, die über die im vierten Verfahrensschritt angefügten Nukleotide eingeführt werden. Bevorzugt ist ebenfalls die Markierung
25 über die Molekülmasse des verlängerten Oligonukleotids. Vorzugsweise wird der Fluoreszenzmarker durch ein fluoreszenzmarkiertes Nukleotid wie z. B. Cy5-dCTP eingeführt.

- 30 Im fünften Verfahrensschritt werden die verlängerten Oligonukleotide auf das Vorhandensein einer Markierung untersucht. Wird eine ebene Festphase verwendet, so erfolgt eine Analyse an jedem Ort auf der Festphase, an dem ursprünglich ein Oligonukleotid immobilisiert wurde.

In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens erfolgt der Nachweis der verlängerten Oligonukleotide über ihre Fluoreszenz. Dabei haben bevorzugt unterschiedliche Verlängerungsprodukte unterschiedliche Fluoreszenzeigenschaften, was beispielsweise durch mit unterschiedlichen Farbstoffen markierte eingebaute Nukleotide erzielt werden kann.

In einer bevorzugten Variante des Verfahrens werden Fragmente des verlängerten Oligonukleotids durch Verdau mit einer oder mehrerer Exo- oder Endonukleasen erzeugt.

In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens sind die Markierungen der Nukleotide ablösbare Massenmarkierungen, die in einem Massenspektrometer nachweisbar sind.

Ablösbare Massenmarkierungen, die verlängerten Oligonukleotide insgesamt oder Fragmente hiervon werden in einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens mittels Matrix-assistierter Laser-Desorptions/Ionisations-Massenspektrometrie (MALDI-MS) oder mittels Elektronenspray-Massenspektrometrie (ESI) anhand ihrer eindeutigen Masse nachgewiesen und visualisiert.

Vorzugsweise weisen die im Massenspektrometer detektierten Fragmente eine einzelne positive oder negative Nettoladung auf.

In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens werden SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) und Cytosin-Methylierungen in einem Experiment analysiert.

In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens werden der untere und der obere Strang der DNA-Probe nach der chemischen Vorbehandlung in einem Experiment analy-

siert, um eine interne experimentelle Kontrolle sicherzustellen.

5 Weiterer Gegenstand der Erfindung ist ein Kit, das Chemikalien und Hilfsmittel zur Durchführung der Bisulfit-Reaktion und/oder der Amplifikation, der Hybridisierung, der Verlängerungsreaktion und/oder Polymerasen und/oder die Dokumentation zur Durchführung des Verfahrens enthält.

10

Die folgenden Beispiele erläutern die Erfindung.

Beispiel 1:

15 Als Sequenzbeispiel ist ein Fragment von Exon 23 des Faktor VIII-Gens angegeben.

Im ersten Schritt wird das Fragment durch Primer des Typs A amplifiziert und zwar durch

20 ATTATGTTGGAGTAGTAGAGTTTAAATGGTT (SEQ-ID No.: 1) und ACTTAACACTTACTATTTAAATCACAACCCAT (SEQ-ID No.: 2). Die amplifizierte DNA wird an ein Oligonukleotid des Typs B (beispielsweise ATGTTGGATGTTGTTGAG (SEQ-ID No.: 3)) hybridisiert. Anschliessend wird die Verlängerungsreaktion mit 2',3'-Didesoxycytidintriphosphat (ddCTP, als Typ

25 C2), 2',3'-Didesoxythymidintriphosphat (ddTTP, als Typ C2) und 2'-Desoxyadenosintriphosphat (dATP, als Typ C1) durchgeführt. Es entsteht, wenn ein methyliertes Cytosin vorlag, das Verlängerungsprodukt ATGTTGGATGTTGTTGAGAAAC

30 (SEQ-ID No.: 4), während bei Vorliegen eines nicht methylierten Cytosins in der zu untersuchenden Sequenz das Verlängerungsprodukt ATGTTGGATGTTGTTGAGAAAT (SEQ-ID No.: 5) entsteht. Somit entstehen unterschiedliche Verlängerungsprodukte, die vom Methylierungsstatus des jeweiligen

35 Cytosins abhängen.

Die terminierenden Triphosphate des Typs C2 können beispielsweise mit zwei unterschiedlichen Farbstoffen gelabelt sein. Dies macht die Verlängerungsprodukte unterscheidbar. Diese unterschiedlichen Label können beispielsweise absorbierende Farbstoffe wie Megaprime™ für ddTTP oder Rediprime II™ für ddCTP sein.

10 Beispiel 2:

Als Sequenzbeispiel ist ein Fragment von Exon 23 des Faktor VIII-Gens angegeben.

Im ersten Schritt wird das Fragment durch Primer des Typs A amplifiziert und zwar durch
15 ATTATGTTGGAGTAGTAGAGTTTAAATGGTT (SEQ-ID No.: 1) und
ACTTAACACTTACTATTAAATCACAACCCAT (SEQ-ID No.: 2). Die
amplifizierte DNA wird an ein Oligonukleotid des Typs B
(beispielsweise ATGTTGGATGTTGTTGAG (SEQ-ID No.: 3))
20 hybridisiert, das an eine feste Phase immobilisiert ist.
Anschliessend wird die Verlängerungsreaktion mit 2',3'-
Didesoxycytidintriphosphat (ddCTP, als Typ C2), 2',3'-
Didesoxythymidintriphosphat (ddTTP, als Typ C2) und 2'-
Desoxyadenosintriphosphat (dATP, als Typ C1) durchge-
25 führt. Es entsteht, wenn ein methyliertes Cytosin vorlag,
das Verlängerungsprodukt ATGTTGGATGTTGTTGAGAAAC (SEQ-ID
No.: 4), während bei Vorliegen eines nicht methylierten
Cytosins in der zu untersuchenden Sequenz das Verlänge-
rungsprodukt ATGTTGGATGTTGTTGAGAAAT (SEQ-ID No.: 5) ent-
30 steht. Somit entstehen unterschiedliche Verlängerungspro-
dukte, die vom Methylierungsstatus des jeweiligen Cyto-
sins abhängen.

Die terminierenden Triphosphate des Typs C2 können beispielsweise mit zwei unterschiedlichen Farbstoffen gelabelt sein. Dies macht die Verlängerungsprodukte unterscheidbar. Diese unterschiedlichen Label können beispielsweise absorbierende Farbstoffe wie Megaprime™ für ddTTP oder Rediprime II™ für ddCTP sein.

Patentansprüche

5 1. Verfahren zum Nachweis von 5-Methylcytosin in genomischen DNA-Proben, dadurch gekennzeichnet, dass man die folgenden Schritte ausführt:

10 (a) man setzt eine genomische DNA aus einer DNA-Probe mit einem Reagenz chemisch um, wobei 5-Methylcytosin und Cytosin unterschiedlich reagieren und diese somit nach der Reaktion ein unterschiedliches Basenpaarungsverhalten in der DNA Duplex zeigen;

15 (b) man amplifiziert die vorbehandelte DNA unter Verwendung einer Polymerase und mindestens einem Oligonukleotid (Typ A) als Primer;

20 (c) man hybridisiert die amplifizierte genomische DNA an mindestens ein Oligonukleotid (Typ B) unter Ausbildung einer Duplex, wobei besagte hybridisierte Oligonukleotide des Typs B mit ihrem 3'-Ende unmittelbar oder im Abstand von bis zu 10 Basen an die Positionen angrenzen, die hinsichtlich ihrer Methylierung in der genomischen DNA-Probe zu untersuchen sind;

25 (d) man verlängert das Oligonukleotid (Typ B) mit bekannter Sequenz von n Nukleotiden mittels einer Polymerase mindestens um ein Nukleotid, wobei das Nukleotid eine nachweisbare Markierung trägt und die Verlängerung vom Methylierungsstatus des jeweiligen Cytosins in der genomischen DNA-Probe abhängt;

30 (e) man untersucht die verlängerten Oligonukleotide auf das Vorhandensein der Markierung.

35

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet,
dass man die Oligonukleotide (Typ B) an definierten
Stellen an eine Festphase bindet.
- 5 3. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet,
dass man die Amplifikate an definierten Stellen an
eine Festphase bindet.
- 10 4. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet,
dass man unterschiedliche Oligonukleotidsequenzen auf
einer ebenen Festphase in Form eines rechtwinkligen
oder hexagonalen Gitters anordnet.
- 15 5. Verfahren nach Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet,
dass die an den verlängerten Oligonukleotiden ange-
brachten Markierungen an jeder Position der Festpha-
se, an der sich eine Oligonukleotidsequenz befindet,
identifizierbar sind.
- 20 6. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet,
dass man bei der Amplifikation mindestens einen Pri-
mer (Typ A) an eine Festphase bindet.
- 25 7. Verfahren nach Anspruch 1, 3 oder 6, dadurch gekenn-
zeichnet, dass man unterschiedliche Amplifikate auf
der Festphase in Form eines rechtwinkligen oder hexa-
gonalen Gitters anordnet.
- 30 8. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet, dass man die Behandlung der
DNA vor der Amplifikation mit einer Bisulfitlösung
(=Disulfit, Hydrogensulfit) durchführt.
- 35 9. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet, dass die Amplifikation mit-
tels der Polymerasekettenreaktion (PCR) erfolgt.

10. Verfahren nach einem der vorangehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die verwendeten Oligonukleotide des Typs A entweder nur die Basen T, A und C oder aber die Basen T, A und G enthalten.
11. Verfahren nach einem der vorangehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die verwendeten Oligonukleotide des Typs B entweder nur die Basen T, A und C oder aber die Basen T, A und G enthalten.
12. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die Markierungen der Nukleotide Fluoreszenzmarkierungen sind.
13. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die Markierungen der Nukleotide Radionuklide sind.
14. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die Markierungen der Nukleotide ablösbare Massenmarkierungen sind, die in einem Massenspektrometer nachgewiesen werden.
15. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die verlängerten Oligonukleotide insgesamt im Massenspektrometer nachgewiesen werden und somit durch ihre Masse eindeutig markiert sind.
16. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass jeweils ein Fragment der verlängerten Oligonukleotide im Massenspektrometer nachgewiesen wird.
17. Verfahren nach Anspruch 15, dadurch gekennzeichnet, dass man das Fragment des verlängerten Oligonukleo-

tids durch Verdau mit einer oder mehrerer Exo- oder Endonukleasen erzeugt.

- 5 18. Verfahren nach Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, dass zur besseren Detektierbarkeit im Massenspektrometer die erzeugten Fragmente eine einzelne positive oder negative Nettoladung aufweisen.
- 10 19. Verfahren gemäß einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass man die Detektion der verlängerten Oligonukleotide mittels Matrix assistierter Laser Desorptions/Ionisations Massenspektrometrie (MALDI) oder mittels Elektrospray Massenspektrometrie (ESI) durchführt und visualisiert.
- 15 20. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, wobei die Polymerasen hitzebeständige DNA-Polymerasen sind.
- 20 21. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, wobei man zusätzlich zur DNA-Methylierung auch SNPs detektiert und visualisiert.
- 25 22. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, wobei die eingesetzten Nukleotide terminierende (Typ C 2) und/oder kettenverlängernde Nukleotide (Typ C 1) sind.
- 30 23. Verfahren nach Anspruch 22, wobei man das kettenterminierende Nukleotid (Typ C 2) aus einer Gruppe auswählt, die entweder die Basen T und C oder aber die Basen G und A umfasst.
- 35 24. Verfahren nach Anspruch 22 oder 23, wobei man die kettenverlängernden Nukleotide (Typ C 1) aus einer

Gruppe auswählt, die entweder die Nukleobasen A, T und C oder aber die Basen G und A und T umfasst.

- 5 25. Verfahren nach einem der vorangehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass man die Amplifikation von mehreren DNA-Abschnitten in einem Reaktionsgefäß durchführt.
- 10 26. Verfahren nach Anspruch 24, dadurch gekennzeichnet, dass das fluoreszenzmarkierte dCTP-Derivat Cy3-dCTP oder Cy5-dCTP ist.
- 15 27. Verfahren nach Anspruch 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Festphasenoberfläche aus Silizium, Glas, Polystyrol, Aluminium, Stahl, Eisen, Kupfer, Nickel, Silber oder Gold besteht.
- 20 28. Verfahren nach Anspruch 1, wobei man die genomische DNA aus einer DNA-Probe erhält, wobei Quellen für DNA z. B. Zelllinien, Blut, Sputum, Stuhl, Urin, Gehirn-Rückenmarks-Flüssigkeit, in Paraffin eingebettetes Gewebe, histologische Objektträger und alle möglichen Kombinationen hiervon umfaßt.
- 25 29. Verfahren nach einem der vorangehenden Ansprüche, dass man Methylierungsanalysen des oberen und unteren DNA-Stranges gleichzeitig durchführt.

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Epigenomics AG

5 <120> Verfahren zur Detektion von Cytosin-Methylierung in
DNA-Proben

<130> E01-1180-WO

10 <140>
<141>

<160> 5

15 <170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1
<211> 31
<212> DNA

20 <213> Künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:
Oligonukleotid

25 <400> 1
attatggttg agtagtagag tttaaattgt t 31

<210> 2

30 <211> 32
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:
Oligonukleotid

35 <400> 2
acttaacact tactatttaa atcacaaccc at 32

40 <210> 3

<211> 18
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

5 <220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:
Oligonukleotid

10 <400> 3
atgttgatg ttgttgag 18

<210> 4
<211> 22
<212> DNA
15 <213> Künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:
Oligonukleotid

20 <400> 4
atgttgatg ttgttgagaa ac 22

25 <210> 5
<211> 22
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

30 <220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:
Oligonukleotid

35 <400> 5
atgttgatg ttgttgagaa at 22

You looked for the following: (us20020294171)<AP>

1 matching documents were found.

To see further result lists select a number from the JumpBar above

Click on any of the Patent Numbers below to see the details of the patent

Basket	Patent	Title
☐	0	Number
☐	US2003096289	Oligonucleotide-immobilized substrate for detecting methylation

To refine your search, click on the icon in the menu bar

Data supplied from the [esp@cenet](#) database - 12

THIS PAGE BLANK (USPTO)